

Análise multivariada e índice de seleção na identificação de genótipos superiores de feijão-caupi

Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini*, Wener Santos de Almeida, Ana Paula Moura da Silva, José Wêndney Lima e Silva e Elizita Maria Teófilo

Departamento de Fitotecnia, Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Ceará, Av. Humberto Monte, s/n, 60356-001, Fortaleza, Ceará, Brasil. Autor para correspondência. E-mail: candida@ufc.br

RESUMO. Objetivou-se com esse trabalho avaliar a divergência genética de genótipos de feijão-caupi por meio de técnicas multivariadas e identificar aqueles que apresentam a melhor combinação para diferentes características por meio de índice de seleção. O experimento foi desenvolvido na Universidade Federal do Ceará, no período de fevereiro a junho de 2008, utilizando-se 47 genótipos de feijão-caupi de várias procedências. O experimento foi constituído de parcelas de uma fileira contendo oito plantas, sem repetição. Os caracteres avaliados foram o porte da planta; a posição da vagem na copa da planta; o número de vagens por planta; o comprimento das vagens; o número de sementes por vagem; o peso de 100 sementes e a produção; o número de dias para a floração e o ciclo; a forma do grão e a cor do grão. A técnica multivariada de componentes principais, associada aos métodos de Tocher e de Distância Euclidiana Média, foi utilizada na avaliação da divergência genética. O índice de seleção de soma de ranks foi utilizado na identificação de genótipos superiores. Novas combinações gênicas promissoras podem surgir nos cruzamentos entre os genótipos CE-264 e CE-200, CE-274 e CE-93, CE-200 e CE-274, e CE-93 e CE-282. Foi possível identificar 13 genótipos apresentando características superiores quanto aos caracteres de produção, precocidade e qualidade do grão.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata* L., análise multivariada, feijão-de-corda, genitores, índice de seleção.

ABSTRACT. Multivariate analysis and selection index for identification of cowpea genotypes. This work aimed to evaluate the genetic divergence among cowpea genotypes through multivariate techniques and identify those with the best combination for size, production and quality of grain using a selection index. The experiment was carried out at the Federal University of Ceará in the period from February to June 2008, using 47 cowpea genotypes. The experiment was carried out in a plot with eight plants, without replications. The following traits were analyzed: plant size, pod position in plant, number of pods per plant, pod length, number of seeds per pod, weight of a hundred seeds, grain yield, number of days to flowering and cycle, shape and color of grain. The main component coupled with the methods of Tocher and Euclidian distance was used to evaluate the genetic divergence. The rank sum selection index was used to identify genotypes with superior characteristics. New genetic combinations can appear in the crossings between CE-264 and CE-200, CE-274 and CE-93, CE-200 and CE-274, and CE-93 and CE-282 genotypes. Thirteen genotypes demonstrated superiority for production, earliness and grain quality traits.

Key words: *Vigna unguiculata* L., multivariate analysis, cowpea, parents, selection index.

Introdução

Dentre as diversas culturas, o feijão-caupi destaca-se como uma das mais cultivadas na região Nordeste do Brasil (MOUSINHO et al., 2008), especialmente nos Estados do Ceará e do Piauí, sendo considerada a principal cultura de subsistência das populações da zona rural, um importante componente da dieta dessa população e também um importante gerador de emprego e renda para essa região. Nas safras 2007/2008, a área plantada com feijão na região Nordeste foi de 2.276.700 ha e a produtividade foi de 441 kg ha⁻¹ (CONAB, 2008).

O cultivo desta cultura é realizado principalmente por pequenos agricultores, obtendo-se baixas produtividades. Entretanto, comparada a outras culturas, o feijão-caupi tem seu potencial genético pouco explorado, já que, em condições experimentais, foram obtidas produtividades de grãos secos acima de 3.000 kg ha⁻¹, segundo Bezerra (1997 apud Passos et al., 2007).

O melhoramento de espécies autógamas, entre essas o feijão-caupi, é baseado, principalmente, na seleção de parentais seguida de hibridação para formação de uma população base e avanço de

geração, com seleção simultânea para mais de uma característica (rendimento, porte, resistência a pragas e doenças e qualidade do grão). Nesse contexto, os estudos sobre divergência genética podem ser de grande importância por fornecerem estimativas para a identificação de genitores que, quando cruzados, aumentam as chances de seleção de genótipos superiores nas gerações segregantes (CRUZ; REGAZZI, 2001).

Várias técnicas multivariadas podem ser aplicadas no estudo da divergência genética. Entre essas técnicas, as mais empregadas são: a análise por componentes principais, quando os dados são obtidos de experimentos sem repetições; a análise por variáveis canônicas, quando os dados são obtidos de experimentos com repetições; e os métodos de agrupamento, cuja aplicação depende da utilização de uma medida de dissimilaridade previamente estimada (OLIVEIRA et al., 2003). Vários trabalhos que avaliam a diversidade e a divergência genética em feijão-caupi foram realizados, utilizando-se caracteres morfoagronômicos (AREMU et al., 2007; OLIVEIRA et al., 2003; PASSOS et al., 2007; PHANSAK, et al., 2005) e marcadores moleculares (BA et al., 2004; NKONGOLO, 2003; XAVIER et al., 2005).

A análise da diversidade genética em coleções de germoplasma pode facilitar a classificação e a identificação de grupos de acessos com características superiores para serem utilizados para fins de melhoramento (MOHAMMADI; PRASANNA, 2003). A identificação de genótipos superiores com base em apenas uma característica, muitas vezes, leva ao insucesso de uma cultivar no

mercado, principalmente quando não são consideradas características como cor, forma e tamanho dos grãos, sendo, portanto, esta uma das tarefas mais difíceis em um programa de melhoramento. Na literatura são descritas várias propostas de índices de seleção, as quais auxiliam na identificação de genótipos superiores para vários caracteres (CRUZ; REGAZZI, 2001). Dentre estes, está o índice de soma de ranks de Mulamba e Mock (1978) que consiste em classificar os genótipos em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento e apresenta como vantagem a eliminação da necessidade de se estabelecerem pesos econômicos e a estimativa de variâncias e covariâncias (CRUZ; REGAZZI, 2001).

Objetivou-se com este trabalho quantificar a divergência genética de genótipos de feijão-caupi por meio de técnicas multivariadas e identificar aqueles que apresentem a melhor combinação para características relativas a porte, produção e qualidade do grão por meio de índice de seleção.

Material e métodos

Quarenta e sete genótipos de feijão-caupi do banco de germoplasma do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Ceará (CCA/UFC), de procedências diversas (Tabela 1), foram multiplicados e avaliados no primeiro semestre de 2008, no Campus do Pici da UFC, em Fortaleza, Estado do Ceará. As parcelas experimentais foram constituídas de uma fileira de 8,0 m de comprimento, com espaçamento de 1,0 m entre plantas e 2,0 m entre fileiras. O desbaste foi feito 15 dias após a semeadura, deixando-se uma planta por cova.

Tabela 1. Discriminação dos acessos de feijão-caupi, registro no CCA/UFC, nome de origem e procedência.

Registro	Nome de origem	Procedência*	Registro	Nome de origem	Procedência*
1. CE-50	-	Pentecoste-CE	25. CE-271	515	IITA
2. CE-65	Lapa	Boa Viagem-CE	26. CE-274	612	IITA
3. CE-68	Lampião	Paracuru-CE	27. CE-281	853	IITA
4. CE-93	Lot-7417-3BE-38	Recife-PE	28. CE-282	857	IITA
5. CE-123	-	Fortaleza-CE	29. CE-283	984	IITA
6. CE-160	1976	Viçosa-MG	30. CE-287	1037	IITA
7. CE-198	V-5	IPEAN-PA	31. CE-288	1065	IITA
8. CE-200	V-12	IPEAN-PA	32. CE-296	1460-P2	IITA
9. CE-203	V-17	IPEAN-PA	33. CE-300	1560	IITA
10. CE-205	V-24	IPEAN-PA	34. CE-303	1566	IITA
11. CE-207	V-34	IPEAN-PA	35. CE-306	1595	IITA
12. CE-209	V-44	IPEAN-PA	36. CE-308	1637-P3	IITA
13. CE-216	V-4 Alagoas	IPEAN-PA	37. CE-310	1961	IITA
14. CE-225	Florcream P-22	IPEAN-PA	38. CE-312	1963	IITA
15. CE-227	Black eye pea	IPEAN-PA	39. CE-317	2366	IITA
16. CE-231	Producer P49	IPEAN-PA	40. CE-320	2455-P2	IITA
17. CE-239	Cinzento	IPEAN-PA	41. CE-321	2460	IITA
18. CE-244	43	IITA	42. CE-323	2475-P2	IITA
19. CE-247	76	IITA	43. CE-330	3349	IITA
20. CE-256	264- P2	IITA	44. CE-333	3522-P1	IITA
21. CE-258	317	IITA	45. CE-338	4539	IITA
22. CE-261	356	IITA	46. CE-343	4545	IITA
23. CE-263	401	IITA	47. CE-344	6663	IITA
24. CE-264	408- P2	IITA			

*IPEAN (Instituto de Pesquisa Agropecuária do Norte – Pará); IITA (Instituto Internacional para Agricultura Tropical, Nigéria, África).

Com o objetivo de identificar, posteriormente, genótipos superiores para várias características de importância para o melhoramento do feijão-caupi, os caracteres avaliados foram divididos em quatro grupos: (1) Caracteres que facilitam a colheita mecanizada: porte da planta (P) e posição da vagem na copa da planta (PV); (2) Caracteres de produção: número de vagens por planta (NVP), comprimento das vagens (CV), número de sementes por vagem (NSV), peso de cem sementes (PCS) e produção, em gramas por planta (Prod); (3) Caracteres relacionados à precocidade: número de dias para a floração (DF) e ciclo (Ciclo) e (4) Caracteres relacionados à qualidade dos grãos: forma do grão (FG) e cor do grão (CG).

A classificação de cada um desses caracteres foi realizada da seguinte forma: P: (1) Ereto; (2) Semi-ereto; (3) Enramador e (4) Prostrado; PV: (1) Acima da folhagem; (2) No nível da folhagem e (3) Em todas as camadas da folhagem; CV: (1) Pequena - < 15 cm; (2) Média - 15 a 20 cm e (3) Grande - > 20 cm; NSV: (1) Pequena - < 15 sementes; (2) Média - 15 a 20 sementes e (3) Grande - > 20 sementes; PCS: (1) Pequena - < 13 g o peso de 100 sementes; (2) Média - 13 a 17 g o peso de 100 sementes e (3) Grande - > 17 g o peso de 100 sementes; Ciclo: (1) Curto - < 70 dias; (2) Médio - 70 a 90 dias e (3) Tardio - > 90 dias; CG: (1) Grupo Branco-Marrom: branco com hilo preto (Bp), branco com hilo marrom (Bma); branco e marrom (BMa), creme (Cr), creme e marrom (CrMa), creme com hilo vinagre (Crvn), amarelo (Am), marrom (Ma); (2) Grupo Rajado-Vinagre: rajado (Rj), rajado marrom (RjMa), rajado roxo (RjRx), roxo (Rx), rosado (Ro), vinagre (Vn) e (3) Grupo Preto: preto (P), preto e branco (PB); FG: (1) Reniforme (Re), (2) Globosa (Go), (3) Ovoide (O) e (4) Romboide (Rom).

Para a quantificação da diversidade genética entre os genótipos foram utilizadas a distância euclidiana média e a análise de componentes principais. Foram utilizados para essas análises os cinco caracteres de produção e os dois caracteres relacionados à precocidade. Cruz e Regazzi (2001) recomendam a utilização da distância Euclidiana e a análise de componentes principais nas avaliações de acessos de bancos de germoplasma, pois nem sempre se dispõe de repetição, dificultando-se a quantificação da influência do ambiente que se atua sobre as constituições genéticas. A partir de uma matriz de dissimilaridade (47 x 47), foi aplicado o método aglomerativo da ligação média entre grupos (UPGMA) na tentativa de se estabelecer grupos de genótipos, gerando-se, ao final, um dendrograma, o qual foi realizado pelo programa Statistica

(STATSOFT INC., 1999). Os genótipos que apresentaram as maiores distâncias foram utilizados no estabelecimento de grupos similares por meio do método hierárquico aglomerativo de otimização, proposto por Tocher.

Para a identificação de genótipos superiores, a partir da seleção simultânea dos 11 caracteres avaliados, foi utilizado o índice de soma de ranks de Mulamba e Mock (1978), o qual consiste em classificar os genótipos em ordem favorável à seleção, de acordo com as classes de cada caractere avaliado. Após esta classificação, as colocações dos vários caracteres de cada genótipo foram somadas, formando-se o índice proposto por Mulamba e Mock. Foram selecionados 27% dos genótipos (13), utilizando-se como critério aqueles que apresentaram as melhores combinações para porte, produção de grãos, menor tempo para maturação e qualidade do grão. As análises multivariadas foram efetuadas, utilizando-se o programa computacional Genes (CRUZ, 2001) e, na classificação e soma de ranks para obtenção do índice de Mulamba e Mock (1978), foi utilizado o programa Excel.

Resultados e discussão

A distância máxima foi obtida entre o par de genótipos CE-216 e CE-244 ($d_{ii} = 3,028$) e a mínima foi entre o par CE-203 e CE-312 ($d_{ii} = 0,295$). A distância genética máxima obtida indica os genótipos mais divergentes, e a distância mínima, os genótipos mais similares. Os genótipos CE-216 e CE-244 foram mais divergentes em virtude de os caracteres NVP, PCS, Prod, DF e Ciclo apresentarem um elevado contraste quando comparados a outros pares de genótipos. Por outro lado, os genótipos CE-203 e CE-312 apresentaram a menor distância em virtude de os caracteres avaliados apresentarem baixo contraste.

Os 47 genótipos avaliados foram separados em dois grupos, sendo um grupo menor constituído pelos genótipos 13, 8, 3 e 1 e um grupo maior constituído pelos demais genótipos (Figura 1). Considerando-se, de forma aleatória, o ponto de corte de 1,2, pôde-se ainda observar a separação de dez subgrupos. O primeiro grupo foi formado pelo genótipo 26; o segundo grupo foi formado pelos genótipos 47, 46, 19 e 4, apresentando a maioria grãos de cor branca com hilo preto, forma reniforme, ciclo curto, precoce, vagens com comprimento médio, NSV considerado pequeno e produção baixa; o terceiro grupo, pelo genótipo 6; o quarto grupo, pelos genótipos 30, 16 e 7; o quinto grupo, pelos genótipos 15, 40, 41, 35, 12 e 5, apresentando a maioria grãos de cor marrom, porte

enramador, precoce, ciclo em torno de 65 dias, NVP, CV e NSV considerados médios e elevada produção; o sexto grupo, pelos genótipos 29, 18, 24, 42 e 17, apresentando a maioria grãos de cor preta, forma ovoide, porte semi-ereto, precoce, ciclo com 56 dias, PCS baixa e produção média; o sétimo grupo, pelos genótipos 21, 10, 37, 45, 43, 28, 23, 22, 32, 27, 14, 31, 20, 39, 34, 25, 36, 33, 11, 38 e 9, apresentando a maioria ciclo em torno de 65 dias, início da floração em torno de 44 dias, grãos de cor marrom e forma ovoide; o oitavo grupo, pelo genótipo 13; o nono grupo, pelos genótipos 8 e 3 e o décimo grupo, pelo genótipo 1. Os genótipos 13, 3, 8 e 1 foram os únicos com ciclo acima de 80 dias.

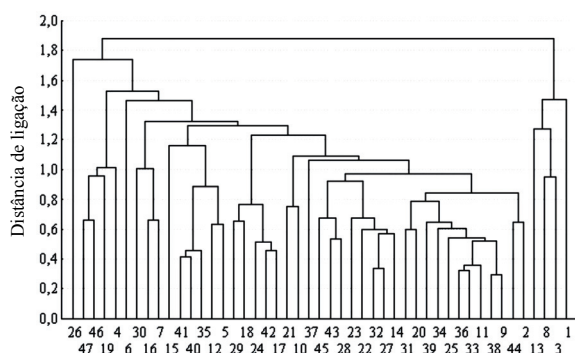


Figura 1. Dendrograma obtido a partir de sete caracteres agrônomicos, avaliados em 47 genótipos de feijão-caupi, com base nas medidas de dissimilaridade genética.

A separação dos grupos em função da cor dos grãos foi verificada por Xavier et al. (2005), quando avaliaram acessos de feijão-caupi por meio de marcadores RAPD. Por outro lado, Mignouma et al. (1998) observaram perfis distintos entre acessos de feijão-caupi com coloração do tegumento da semente similar, quando analisados por RAPD.

Oliveira et al. (2003), avaliando 16 acessos do banco de germoplasma da UFC, obtiveram média para produção de grãos por planta de 30,63 g e o maior valor detectado foi igual a 42,33 g. No presente trabalho, o valor máximo encontrado foi igual a 138,46 g. Quanto a outros caracteres, tais

como CV, NSV, PCS e NVP, esses autores também encontraram grande variabilidade entre as cultivares avaliadas. Valores variando de 15,1 a 21,7 cm para CV e 9,7 a 26,1 g para PCS foram obtidos para genótipos de feijão-caupi de porte prostrado e porte ereto por Passos et al. (2007). A variação encontrada por esses autores é aproximada à encontrada no presente trabalho, em que o CV variou de 12,8 a 23,8 cm e o PCS variou de 6,45 a 24,0 g. Esses resultados indicam a possibilidade de identificação de genótipos superiores para utilização nos programas de melhoramento do feijão-caupi.

Avaliando-se a distância máxima obtida entre todas as possíveis combinações de cada um dos genótipos estudados, observou-se que a maioria apresentou suas respectivas distâncias máximas quando combinadas com o genótipo CE-216 (V-4 Alagoas), indicando esse genótipo como o mais divergente. Resultado semelhante com o genótipo V-4 Alagoas foi obtido por Oliveira et al. (2003). Valores máximos de dii' foram obtidos para as combinações entre o genótipo CE-216 e os genótipos CE-244, CE-283, CE 323, CE-306, CE-264, CE-343, CE-261 e CE-247.

Selecionando-se apenas os genótipos que apresentaram distâncias máximas (24) e utilizando-se o método de otimização de Tocher, observou-se a distribuição dos 24 genótipos em dez grupos distintos (Tabela 2). Os genótipos classificados são homogêneos dentro do grupo, mas heterogêneos entre grupos e as distâncias intragrupos são sempre inferiores a qualquer distância intergrupos, atendendo, assim, aos critérios estabelecidos para o método de otimização de Tocher (CRUZ; REGAZZI, 2001).

Os três primeiros componentes principais (CP1, CP2 e CP3), referentes aos sete caracteres agrônomicos considerados, viabilizaram a construção de uma dispersão gráfica (Figura 2), pelo fato de os três componentes terem explicado 80,32% da variância total.

Tabela 2. Distâncias médias dentro e entre grupos correspondentes aos dez grupos formados pelos 24 genótipos de feijão-caupi¹.

Grupo ²	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX	X
I	2,103	2,785	3,391	3,585	4,633	2,901	4,577	4,040	2,977	4,996
II		1,329	4,105	3,227	4,265	3,615	5,736	4,813	4,293	6,087
III			2,265	3,061	3,889	3,209	3,252	3,188	3,776	3,183
IV				1,994	3,347	4,222	5,158	4,581	4,094	5,594
V					2,115	3,824	4,043	4,379	5,360	5,600
VI						2,595	3,147	3,580	3,689	3,906
VII							-	2,946	5,130	3,070
VIII									5,016	3,688
IX										5,074
X										

¹As distâncias médias dentro dos grupos estão dispostas na diagonal principal e as distâncias médias entre grupos estão dispostas fora da diagonal principal. ²Grupo I: genótipos 40, 41, 35, 43, 28, 5 e 37; Grupo II: genótipos 24, 42, 18 e 29; Grupo III: genótipos 3, 39 e 6; Grupo IV: 2 e 31; Grupo V: 4 e 19; Grupo VI: 15 e 16; Grupo VII: genótipo 8; Grupo VIII: genótipo 1; Grupo IX: 26 e Grupo X: 13.

O primeiro, o segundo e o terceiro componentes apresentaram autovalores estimados iguais a 39,88; 24,21 e 16,23%, respectivamente. De acordo com os autovetores associados, a cada componente principal verificou-se que o caractere comprimento de vagem (0,44) foi o que mais influenciou na formação do primeiro componente e o de peso de 100 sementes (0,51) o que mais influenciou na formação do segundo (0,51) e do terceiro componentes (0,74).

Avaliando-se os resultados apresentados na Tabela 2 e na Figura 2, observa-se que as maiores distâncias foram obtidas entre os grupos II e X (6,087), II e VII (5,736), V e X (5,600) e IV e X (5,594), correspondendo às maiores divergências entre grupos, indicando as melhores combinações para cruzamentos. Observando-se também os resultados apresentados no dendrograma, obtido por meio da distância euclidiana média, verifica-se que muitos dos genótipos agrupados juntos também o foram quando da análise pelo agrupamento de Tocher e pela análise gráfica, utilizando-se componentes principais.

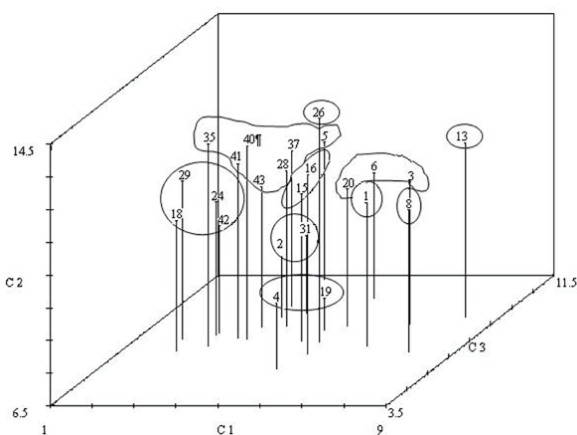


Figura 2. Dispersão gráfica obtida por meio dos componentes principais avaliados a partir de sete caracteres agrônômicos em 24 genótipos de feijão-caupi.

Ainda com base nos resultados dos componentes principais foi possível obter-se uma matriz de correlação de Pearson entre os caracteres agrônômicos NVP, CV, NSV, PCS, P, DF e Ciclo calculados (Tabela 3). De acordo com esses resultados, observa-se que os únicos caracteres que apresentaram correlação estatisticamente significativa foram NVP e P, CV e PCS, NSV e PCS.

O caractere NVP apresentou correlação positiva e elevada (0,83) com a produção e o CV, correlação positiva com PCS, indicando a utilização desses caracteres para a seleção de genótipos com maior produção, embora não tenha sido verificada correlação entre CV e produção. O caractere NSV

apresentou correlação negativa com PCS. Este resultado concorda com os obtidos por Aryeetey e Laing (1973) e Kheradnam e Niknejad (1974 apud Lopes et al., 2001). Correlações fenotípicas positivas e significativas entre CV e os caracteres NSV e PCS e também correlações fenotípicas positivas e significativas entre NSV e PCS foram encontradas por Lopes et al. (2001).

Tabela 3. Estimativa do coeficiente de correlação simples entre os caracteres NVP, CV, NSV, PCS, Prod, DF e CICLO de vinte e quatro genótipos de feijão-caupi.

	NVP	CV	NSV	PCS	Prod	DF	CICLO
NVP	-	-0,165	0,353	-0,339	0,827**	-0,072	-0,175
CV		-	-0,203	0,713**	0,076	0,043	0,440
NSV			-	-0,525**	0,371	0,102	-0,211
PCS				-	-0,064	0,081	0,580
Prod					-	0,007	-0,066
DF						-	0,398
CICLO							-

**Significativo em nível de 1% de probabilidade, pelo teste T.

Avaliando a variabilidade e correlações em populações de caupi para produção de grãos verdes, Souza et al. (2007) encontraram correlações genotípicas positivas e significativas para os caracteres número de vagens por planta e número de grãos por vagem, indicando que o número de vagens por planta pode ser uma característica importante na seleção indireta para a produção de grãos em populações segregantes. Resultado semelhante também foi obtido por Ribeiro et al. (2001) ao trabalharem com feijão comum.

Visando à identificação dos parentais mais divergentes e que apresentem, também, as maiores médias em relação aos caracteres que se deseja melhorar, foi realizado um ranqueamento de todos os caracteres considerados importantes no melhoramento do feijão-caupi, possibilitando-se, ao final, a seleção de genótipos superiores. O resultado do ranqueamento está apresentado na Tabela 4. De acordo com os critérios estabelecidos para os quatro grupos de caracteres, a soma de ranks variou de 23 a 114 para os genótipos CE-306 e CE-288, respectivamente. O menor valor indica uma combinação mais favorável entre todos os caracteres estabelecidos e o maior valor e uma combinação desfavorável com caracteres apresentando valores abaixo do requerido pelo melhoramento. Dessa forma, com base nesse índice, foi possível identificar 13 genótipos superiores, sendo estes em ordem crescente da soma de ranks os genótipos 35, 29, 40, 41, 18, 26, 5, 16, 15, 22, 12, 43 e 24. Esses genótipos serão selecionados para serem avaliados em ensaios de rendimento.

Tabela 4. Classificação com base na soma de ranks de 47 genótipos de feijão-caupi em relação a 11 caracteres botânicos e agrônômicos (P- porte da planta; PV- posição da vagem na planta; NVP- número de vagens por planta; CV- comprimento da vagem; NSV- número de sementes por vagem; PCS- peso de cem sementes; Prod- produção em gramas por planta; DF- dias para o início da floração; Ciclo- ciclo da planta; FG- forma do grão; CG- classificação das cores dos grãos).

Genótipos	P	PV	NVP	CV	NSV	PCS	Prod	DF	Ciclo	FG	CG	Soma de Ranks
1. CE-50	EN	A	25.00	20.80	14.00	15.05	40.60	38.00	91.00	Re	Bp	85
2. CE-65	EN	A	28.00	12.00	14.00	7.36	19.34	44.00	65.00	O	Cr	97
3. CE-68	P	A	12.00	18.10	14.00	19.69	24.45	46.00	82.00	O	RjMa	111
4. CE-93	EN	N	26.00	15.70	10.00	15.81	24.83	35.00	56.00	Re	Bp	84
5. CE-123	P	A	46.00	18.60	16.00	16.01	100.80	46.00	82.00	Rom	Ma	44
6. CE-160	P	TC	11.00	17.30	18.00	11.72	13.68	51.00	72.00	Rom	Ma	120
7. CE-198	SE	TC	35.00	19.80	15.00	16.38	53.40	41.00	65.00	Rom	Ma	63
8. CE-200	SE	A	19.00	20.00	10.00	23.98	45.39	43.00	79.00	Re	BMa	86
9. CE-203	E	N	22.00	14.60	14.00	11.04	23.80	44.00	72.00	O	PB	104
10. CE-205	E	A	30.00	14.70	13.00	17.36	52.37	46.00	72.00	Go	CrMa	74
11. CE-207	SE	A	32.00	16.50	14.00	11.03	36.97	46.00	65.00	Re	Ma	81
12. CE-209	P	TC	49.00	16.00	15.00	15.90	93.48	46.00	72.00	Rom	P	48
13. CE-216	EN	A	11.00	23.80	14.00	20.20	27.84	52.00	82.00	Re	Ma	110
14. CE-225	EN	TC	31.00	15.80	17.00	15.83	69.40	43.00	65.00	Rom	Ma	65
15. CE-227	EN	A	58.00	17.50	11.00	14.94	65.88	46.00	65.00	Re	Bp	47
16. CE-231	EN	TC	44.00	21.70	15.00	18.90	87.70	43.00	65.00	Re	Ma	44
17. CE-239	SE	N	33.00	16.10	17.00	9.62	52.28	42.00	56.00	O	RjRx	69
18. CE-244	E	TC	61.00	16.50	18.00	7.46	75.66	37.00	56.00	O	P	37
19. CE-247	E	TC	5.00	16.20	10.00	10.20	4.90	41.00	56.00	Re	Bp	112
20. CE-256	SE	N	23.00	13.00	17.00	11.70	42.72	46.00	65.00	Rom	RjMa	93
21. CE-258	SE	A	21.00	12.30	13.00	13.86	57.26	44.00	82.00	O	RjMa	81
22. CE-261	SE	A	45.00	16.00	17.00	12.80	75.60	41.00	56.00	Rom	Ma	47
23. CE-263	EN	A	21.00	15.90	16.00	13.05	94.80	44.00	56.00	O	Ma	64
24. CE-264	P	TC	50.00	17.10	19.00	8.62	70.93	42.00	56.00	O	Ma	49
25. CE-271	P	TC	18.00	16.50	15.00	13.88	31.85	43.00	65.00	O	Cr	102
26. CE-274	P	A	66.00	15.10	13.00	9.40	81.50	54.00	79.00	O	CrMa	43
27. CE-281	SE	N	41.00	17.00	16.00	10.49	76.56	44.00	65.00	O	Vn	52
28. CE-282	EN	TC	68.00	15.40	16.00	12.72	49.12	44.00	79.00	Rom	Ma	56
29. CE-283	SE	TC	73.00	16.90	19.00	7.67	88.83	42.00	56.00	O	P	31
30. CE-287	EN	TC	22.00	21.90	17.00	12.53	39.18	46.00	65.00	Re	Rj	94
31. CE-288	SE	A	9.00	14.40	18.00	9.94	15.97	44.00	65.00	O	RjMa	114
32. CE-296	EN	A	44.00	15.80	17.00	12.52	79.63	44.00	65.00	O	Ma	49
33. CE-300	EN	TC	28.00	14.70	15.00	10.50	44.34	45.00	65.00	O	Ma	86
34. CE-303	SE	TC	31.00	18.00	17.00	11.16	42.80	44.00	65.00	O	Vn	81
35. CE-306	EN	A	73.00	17.00	17.00	13.00	138.46	43.00	65.00	O	Ma	23
36. CE-308	SE	N	31.00	16.40	15.00	10.95	53.36	44.00	65.00	O	Vn	72
37. CE-310	EN	A	39.00	15.00	17.00	9.97	72.89	51.00	65.00	O	RjMa	59
38. CE-312	EN	TC	19.00	16.00	15.00	10.50	30.64	44.00	72.00	O	RjMa	105
39. CE-317	E	A	17.00	18.00	14.00	13.14	52.17	46.00	72.00	Re	Vn	90
40. CE-320	EN	TC	66.00	16.70	16.00	13.53	121.60	44.00	72.00	O	Ma	31
41. CE-321	SE	A	56.00	16.70	17.00	13.05	118.66	44.00	65.00	O	Ma	32
42. CE-323	SE	N	47.00	15.80	17.00	6.45	58.23	42.00	56.00	O	P	54
43. CE-330	EN	A	57.00	14.70	16.00	10.64	70.68	44.00	72.00	O	Ma	48
44. CE-333	EN	TC	36.00	13.20	13.00	10.69	45.89	44.00	72.00	O	Ma	75
45. CE-338	P	A	54.00	16.00	14.00	10.89	53.05	45.00	65.00	Re	Bma	56
46. CE-343	E	A	36.00	12.80	10.00	14.13	34.03	41.00	65.00	Rom	Ma	77
47. CE-344	SE	TC	26.00	16.50	10.00	13.21	36.89	43.00	65.00	O	Crvn	90

Com base nesses resultados e nos obtidos pelas análises de divergência foi possível identificar os seguintes pares de genótipos para utilização em cruzamentos: (24) CE-264 e (8) CE-200 (Grupos II e VII), (26) CE-274 e (4) CE-93 (Grupos IX e V), (8) CE-200 e (26) CE-274 (Grupos VII e IX), (4) CE-93 e (28) CE-282 (Grupos I e V). Espera-se que esses parentais proporcionem a formação de populações com ampla base genética e com maior probabilidade de se obter, nas gerações segregantes, novas combinações gênicas, com alto potencial para características agrônômicas. Oliveira et al. (2003) encontraram valores máximos de divergência entre pares de genótipos mas, avaliando as médias intragrupos apresentadas pelos principais caracteres a serem melhorados, encontraram valores abaixo das

médias, o que diminuiria a possibilidade de obtenção de recombinantes com alto potencial produtivo.

Apesar de o grupo X, constituído pelo genótipo 13, apresentar as maiores distâncias entre os genótipos, o referido genótipo apresenta baixos valores para os caracteres de produção, além de ciclo médio a longo, o que poderia dificultar o aparecimento de genótipos com potencial produtivo nas gerações segregantes. Além dos caracteres de produção é importante se considerar o tamanho, a forma e a cor do grão. As características-padrão do consumidor nordestino são grãos com cores creme ou marrom, peso de 25 g para 100 sementes, tegumento liso e formas mais regulares: ovoides, globosas e reniformes, podendo ainda haver variações de Estado para Estado, o que dificulta o

programa de melhoramento da cultura. A identificação de genótipos superiores pode ser facilitada, utilizando-se o índice de Mulamba e Mock (1978), desde que diferentes caracteres possam ser avaliados de forma conjunta. Santos e Araújo (2001), avaliando 52 genótipos de feijão-de-corda e a seleção por meio de diferentes índices, constataram que o índice soma de ranks, o multiplicativo e o livre de pesos e parâmetros, além de apresentarem progressos satisfatórios para um conjunto de caracteres, foram os de mais fácil aplicação em relação aos demais índices utilizados.

Conclusão

Os cruzamentos entre os genótipos CE-264 e CE-200, CE-274 e CE-93 e, CE-200 e CE-274 viabilizam novas combinações gênicas promissoras. Os genótipos CE-306, CE-283, CE-320, CE-321, CE-244, CE-274, CE-123, CE-231, CE-227, CE-261, CE-209, CE-330 e CE-264 apresentam características superiores quanto aos caracteres de produção, precocidade e qualidade do grão. A utilização do índice de soma de ranks permitiu identificar genótipos superiores e divergentes assegurando a escolha de parentais com maior potencial produtivo e que pudessem ser utilizados na formação de populações segregantes.

Referências

- AREMU, C. O.; ADEBAYO, M. A.; ARIYO, O. J.; ADEWALE, B. B. Classification of genetic diversity and choice of parents for hybridization in cowpea *Vigna unguiculata* (L.) Walp for humid savanna ecology. **African Journal of Biotechnology**, v. 6, n. 20, p. 2333-2339, 2007.
- BA, F. S.; PASQUET, R. S.; GEPTS, P. Genetic diversity in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) as revealed by RAPD markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 51, n. 5, p. 539-550, 2004.
- CONAB-Companhia Nacional de Abastecimento. **Avaliação da safra agrícola 2007/2008, quarto levantamento**. Rio de Janeiro, 2008.
- CRUZ, C. D. **Programa genes**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2001.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2001.
- LOPES, A. C. A.; FREIRE-FILHO, F. R.; SILVA, R. B. Q.; CAMPOS, F. L.; ROCHA, M. M. Variabilidade e correlações entre caracteres agronômicos em caupi (*Vigna unguiculata*). **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 36, n. 3, p. 515-520, 2001.
- MIGNOUMA, H. D.; NG, N. Q.; IKEA, J.; THOTTAPILLY, G. Genetic diversity in cowpea as revealed by random amplified polymorphic DNA. **Journal of Genetics & Breeding**, v. 5, n. 2, p. 151-159, 1998.
- MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M. Analysis of genetic diversity in crop plants – salient statistical tools and considerations. **Crop Science**, v. 43, n. 4, p. 1235-1248, 2003.
- MOUSINHO, F. E. P.; ANDRADE JÚNIOR, A. S.; FRIZZONE, J. A. Viabilidade econômica do cultivo irrigado do feijão-caupi no Estado do Piauí. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 30, n. 1, p. 139-145, 2008.
- MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the method Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, v. 7, n. 1, p. 40-51, 1978.
- NKONGOLO, K. K. Genetic characterization of Malawian cowpea (*Vigna unguiculata* L.) landraces: diversity and gene flow among accessions. **Euphytica**, v. 129, n. 2, p. 219-228, 2003.
- OLIVEIRA, F. J.; FILHO, C. J. A.; BASTOS, G. Q.; REIS, O. V. Divergência genética entre cultivares de caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 5, p. 605-611, 2003.
- PASSOS, A. R.; SILVA, S. A.; CRUZ, P. J.; ROCHA, M. M.; CRUZ, E. M. O.; ROCHA, M. A. C.; BAHIA, H. F.; SALDANHA, R. B. Divergência genética em feijão-caupi. **Bragantia**, v. 66, n. 4, p.579-586, 2007.
- PHANSAK, P.; TAYLOR, P. W. J.; MONGKOLPORN, O. Genetic diversity in yardlong bean (*Vigna unguiculata* ssp. *sesquipedalis*) and related *Vigna* species using sequence tagged microsatellite site analysis. **Scientia Horticulturae**, v. 106, n. 2, p. 137-146, 2005.
- RIBEIRO, N. D.; MELLO, R. M.; DALLA COSTA, R.; SLUSZZ, T. Correlações genéticas de caracteres agromorfológicos e suas implicações na seleção de genótipos de feijão carioca. **Revista Brasileira de Agrociência**, v. 7, n. 2, p. 93-99, 2001.
- SANTOS, C. A. F.; ARAÚJO, F. P. Aplicação de índices para seleção de caracteres agronômicos de feijão-de-corda. **Ciência Agronômica**, v. 32, n. 1-2, p. 78-84, 2001.
- SOUZA, C. L. C.; LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F.; ROCHA, M. M.; SILVA, E. M. Variability and correlations in cowpea populations for green-grain production. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 7, n. 3, p. 262-269, 2007.
- STATSOFT INC. **Statistica for Windows** [Computer program manual]. Tulsa, 1999.
- XAVIER, G. R.; MARTINS, L. M. V.; RUMJANEK, N. G.; FREIRE-FILHO, F. R. Variabilidade genética em acessos de caupi analisada por meio de marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 40, n. 4, p. 353-359, 2005.

Received on July 30, 2008.

Accepted on January 24, 2009.

License information: This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License, which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.